

УДК 613.26:612.336.3-07-093

DOI 10.24412/2312-2935-2025-1-158-176

ВЛИЯНИЕ ПОТРЕБЛЕНИЯ ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТОВ РАСТИТЕЛЬНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ НА ФОРМИРОВАНИЕ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА

Д.О. Горбачев¹, А.В. Ермолаев^{1,2}, А.В. Лямин¹

¹ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России,
г. Самара

²Центр (государственного санитарно-эпидемиологического надзора, территориальный,
г. Самара) ФГКУ «1026 ЦГСЭН» МО РФ

Введение. Формирование микробиоты кишечника напрямую зависит от пищевого поведения человека и выражается как в количественных, так и в качественных характеристиках.

Цель исследования: гигиеническая оценка потребления пищевых продуктов растительного происхождения и видового разнообразия микробиоты кишечника в организованном (организованном) коллективе закрытого типа.

Материалы и методы. В исследование включены 120 человек мужского пола (100%), формирующих организованный коллектив закрытого типа. Проводилась оценка фактического питания обследованных лиц на основе метода 24-часового воспроизведения рациона. Микробиоту кишечника изучали методом MALDI-ToF масс-спектрометрии с использованием расширенного спектра питательных сред. Статистический анализ проведен с использованием специализированного программного обеспечения.

Результаты и их обсуждения. При употреблении группы продуктов «Каши, крупы, макаронные изделия» выявляется *Enterococcus* spp. ($p = 0,021$), *Paeniglutamibacter* spp. ($p = 0,027$), *Sinomonas* spp. ($p = 0,036$), *Staphylococcus* spp. ($p = 0,043$); «Хлеб, хлебобулочные изделия, выпечка» выявляется *Bacteroides* spp. ($p = 0,028$); «Бобовые растения» выявляется *Limosilactobacillus* spp. ($p = 0,001$); «Овощи, овощные блюда» выявляется *Bifidobacterium* spp. ($p = 0,045$), *Liquorilactobacillus* spp. ($p = 0,001$), *Salmonella* spp. ($p = 0,036$); «Картофель, блюда картофельные» выявляется *Kocuria* spp. ($p = 0,039$), *Lactobacillus* spp. ($p = 0,040$); «Фрукты, ягоды, фруктово-ягодные напитки» выявляется *Bacteroides* spp. ($p = 0,020$), *Comamonas* spp. ($p = 0,015$), *Proteus* spp. ($p = 0,046$), *Pseudarthrobacter* spp. ($p = 0,015$).

Заключение. Результаты проведенного исследования подтвердили ряд зависимостей между употреблением отдельных пищевых продуктов растительного происхождения и формированием устойчивой микробиоты кишечника с определенными качественными и количественными признаками.

Ключевые слова: растительные продукты, микробиота кишечника, микробиом, организованный коллектив закрытого типа, алиментарно-зависимые заболевания, профилактические мероприятия, фактическое питание

INFLUENCE OF CONSUMPTION OF FOOD PRODUCTS OF PLANT ORIGIN ON THE FORMATION OF INTESTINAL MICROBIOTA

D.O Gorbachev¹, A.V. Ermolaev^{1,2}, A.V. Lyamin¹

¹Samara State Medical University" of the Ministry of Health of Russia, Samara, Russia;

²1026 of the Center for State Sanitary and Epidemiological Surveillance of the Ministry of Defense of the Russian Federation

Introduction (relevance). The formation of intestinal microbiota directly depends on human eating behavior and is expressed in both quantitative and qualitative characteristics.

Purpose of the study: hygienic assessment of the consumption of food products of plant origin and the species diversity of the intestinal microbiota in an organized (organized) closed community.

Materials and methods. The study included 120 males (100%), forming an organized closed-type team. An assessment was made of the actual nutrition of the surveyed individuals based on the method of 24-hour diet reproduction. The intestinal microbiota was studied by MALDI-ToF mass spectrometry using an extended range of nutrient media. Statistical analysis was carried out using specialized software.

Results. When consuming the product group "Porridge, cereals, pasta", *Enterococcus* spp is detected. ($p = 0,021$), *Paeniglutamicibacter* spp. ($p = 0,027$), *Sinomonas* spp. ($p = 0,036$), *Staphylococcus* spp. ($p = 0,043$); "Bread, bakery products, pastries" are detected by *Bacteroides* spp. ($p = 0,028$); Leguminous plants are identified by *Limosilactobacillus* spp. ($p = 0,001$); "Vegetables, vegetable dishes" are detected by *Bifidobacterium* spp. ($p = 0,045$), *Liquorilactobacillus* spp. ($p = 0,001$), *Salmonella* spp. ($p = 0,036$); "Potatoes, potato dishes" is detected by *Kocuria* spp. ($p = 0,039$), *Lactobacillus* spp. ($p = 0,040$); "Fruits, berries, fruit and berry drinks" are detected by *Bacteroides* spp. ($p = 0,020$), *Comamonas* spp. ($p = 0,015$), *Proteus* spp. ($p = 0,046$), *Pseudarthrobacter* spp. ($p = 0,015$).

Conclusion. The results of the study confirmed a number of relationships between the consumption of certain foods of plant origin and the formation of a stable intestinal microbiota with certain qualitative and quantitative characteristics.

Keywords. Plant products, gut microbiota, microbiome, organized closed group, nutrition-dependent diseases, preventive measures, actual nutrition

Введение. Рациональное питание играет ключевую роль в сохранении здоровья населения. Оптимальное питание поддерживает здоровый рост и развитие человека, помогает предотвращать заболевания, продлевает жизнь, повышает эффективность труда и обеспечивает адекватную адаптацию к окружающей среде, снижает риск возникновения алиментарно-зависимых заболеваний [1].

Большинство взрослого населения не следует принципам здорового питания из-за потребления групп пищевых продуктов, содержащих высокое количество животного жира и простых углеводов. Сохраняется тенденция к низкому употреблению группы продуктов растительного происхождения (овощей, фруктов), а также редкому употреблению рыбы и морепродуктов. В результате растет количество людей с избыточным весом и ожирением [2].

Питание также играет важную роль в формировании и поддержании «нормальной» микробиоты кишечника. В человеческом организме проживает огромное количество микробов, которые действуют согласованно и выполняют важную роль в жизни человека. Особенно высокая концентрация микробов наблюдается в желудочно-кишечном тракте (ЖКТ), где они образуют сложное микробное сообщество [3,4].

Несмотря на широкое разнообразие микроорганизмов, в составе микробиоты кишечника взрослых людей преобладает соотношение Bacteroidetes/Firmicutes, в то время как соотношение Actinobacteria/Proteobacteria значительно ниже. Кроме того, микробиота каждого человека уникальна и отличается как по видам, так и по штаммам.

Качественный и количественный состав микробиоты кишечника изменяется в течение жизни человека под воздействием таких факторов, как различные диеты, влияние окружающей среды, соблюдение режима сна и бодрствования, а также уровень физической активности. Многочисленные исследования подтверждают, что диеты играют значительную роль в формировании состава микробиоты кишечника [5].

Рационы (диеты), основанные на продуктах животного или растительного происхождения, могут существенно влиять на состав микробиоты кишечника.

Диета, богатая животными жирами, простыми углеводами, добавленным сахаром и процессированными продуктами, может нарушать баланс микробиоты, приводя к дисбиозу кишечника – нарушению состава микроорганизмов, что может иметь негативные последствия для здоровья человека.

Напротив, потребление овощей, фруктов, злаков, бобов, орехов, семян, нежирного молока и ферментированных продуктов способствует разнообразию микробиоты и ее оптимальному составу.

Цель исследования. Провести гигиеническую оценку потребления пищевых продуктов растительного происхождения и видового разнообразия микробиоты кишечника в организованном (организованном) коллективе закрытого типа.

Материалы и методы. В исследовании приняли участие 120 человек, составляющих организованный коллектив закрытого типа. Возраст участников составил от 18 до 22 лет (средний возраст $18,4 \pm 0,7$ лет). В исследовании принимали участие представители мужского пола (100%).

Критериями включения определены: возраст испытуемых от 18-22 лет; наличие информированного добровольного согласия испытуемого на участие в исследовании; отсутствие острых инфекционных заболеваний; отсутствие приема антибактериальных препаратов более 3-х месяцев; отсутствие ограничений в питании (вегетарианство,

сыроедение и прочее); - проживание в пределах одного организованного коллектива закрытого типа.

У членов организованного коллектива проводился сбор биоматериала из просвета толстой кишки. Биоматериал после сбора доставлялся в микробиологическую лабораторию в сухой стерильной пробирке с использованием медицинского контейнера (ТМ-1) в сумке-чехле с хладоэлементами (МХД-1).

Посев отобранного биоматериала проводился на расширенный перечень питательных сред: агар для энтеробактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Veillonella* spp. (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Clostridium* spp. (Condalab, Испания), агар для выделения бифидобактерий (HiMedia, Индия), агар для выделения анаэробных бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Brucella* spp. (HiMedia, Индия), агар для выделения, культивирования и идентификации гемолитической активности требовательных микроорганизмов (HiMedia, Индия), хромогенный агар для обнаружения и подсчета уропатогенных бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения молочнокислых бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения лактобактерий орального и фекального происхождения (Condalab, Испания), агар Сабуро с хлорамфениколом и циклогексимидам для селективного выделения и культивирования грибов (HiMedia, Индия).

Проводилось культивирование при температуре 37°C не менее 120 часов в анаэробных условиях с использованием газогенерирующих пакетов «Анаэрогаз» (ИНКО, Россия) с целью создания условий бескислородной и обогащенной углекислым газом среды в анаэроостате для культивирования и выделения из первичного биоматериала облигатно и факультативно-анаэробных микроорганизмов.

Идентификация всех выросших колоний микроорганизмов проводилась с использованием метода MALDI-ToF масс-спектрометрии при использовании прибора MicroflexLT (Bruker, Германия) за счет метода прямого и расширенного нанесения с добавлением муравьиной кислоты.

Оценка фактического питания обследованных лиц на основе метода 24-часового воспроизведения рациона, с последующей обработкой полученных данных в компьютерной программе «Нутри-проф» (версия ПО № 2.9). По каждому обследованному были проанализированы данные фактического питания за 3 дня (для опроса выбирались следующие дни недели - понедельник, среда, суббота).

По итогам оценки фактического питания с учетом задач исследования нами был проанализирован характер потребления пищевых продуктов растительного происхождения,

которые были объединены в следующие группы: «каши, крупы, макаронные изделия»; «хлеб, хлебобулочные изделия, выпечка»; «овощи, овощные блюда»; «картофель, блюда картофельные»; «фрукты, ягоды, фруктово-ягодные напитки».

Проведение исследования одобрено этическим комитетом по биоэтике ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, протокол № 252 от 07.09.2022 г.

Статистическая обработка полученных данных проводилась на базе программного обеспечения стандартного пакета StatTech v.4.0.7. Исследуемые количественные показатели оценивались на предмет соответствия нормальному распределению с помощью критерия Шапиро-Уилка (при числе исследуемых менее 50) или критерия Колмогорова-Смирнова (при числе исследуемых более 50). В случае отсутствия нормального распределения количественные данные описывались с помощью медианы (Me) и нижнего и верхнего квартилей (Q1 – Q3). Сравнение двух групп по количественному показателю, распределение которого отличалось от нормального, выполнялось с помощью U-критерия Манна-Уитни. Различия полученных показателей считались статистически значимы при $p < 0,05$.

Сравнение трех и более групп по количественному показателю, распределение которого отличалось от нормального, выполнялось с помощью критерия Краскела-Уоллиса, апостериорные сравнения определялись при помощи критерия Данна с поправкой Холма.

Направление и теснота корреляционной связи между двумя количественными показателями оценивались с помощью коэффициента ранговой корреляции Спирмена (при распределении показателей, отличном от нормального).

С помощью статистического анализа были исследованы 112 родов бактерий, выявленных в результате масс-спектрометрии. От общего числа выявленных родов были отобраны 15 и включены в таблицы на основе статистически значимых результатов $p < 0,05$.

Результаты. Был проведен статистический анализ зависимости между потреблением продуктов «каши, крупы, макаронные изделия» и особенностями микробиоты кишечника в организованном коллективе закрытого типа.

В проведенном нами исследовании было установлено – при употреблении в среднем $172,2 \pm 31,5$ г/сут представленных видов пищевой группы продуктов вероятность выявления в организме бактерий родов *Enterococcus*, *Paeniglutamicibacter*, *Staphylococcus*, *Sinomonas* статистически возрастает.

Таблица 1

Зависимость между потреблением продуктов «каши, крупы, макаронные изделия» и
 микробиотой кишечника

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Каши, крупы, макаронные изделия	<i>Enterococcus</i>	Не выявлены	8	8 – 10	17	0,021
		Выявлены	8	7 – 9	103	
	<i>Paeniglutamicibacter</i>	Не выявлены	8	7 – 9	118	0,027
		Выявлены	10	10 – 11	2	
	<i>Sinomonas</i>	Не выявлены	8	7 – 9	118	0,036
		Выявлены	6	5 – 6	2	
	<i>Staphylococcus</i>	Не выявлены	8	7 – 8	42	0,043
		Выявлены	8	7 – 9	78	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

Потребление группы «хлеб, хлебобулочные изделия, выпечка» и ее влияние на формирование микробиоты кишечника. В проведенном нами исследовании было установлено – при употреблении в среднем $46,1 \pm 3,9$ г/сут представленных видов пищевой группы продуктов вероятность выявления в организме *Bacteroides* spp. повышается у каждого пятого участника исследования, что составляет 20,8%.

Таблица 2

Зависимость между потреблением продуктов «хлеб, хлебобулочные изделия, выпечка» и микробиотой кишечника

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Хлеб, хлебобулочные изделия, выпечка	<i>Bacteroides</i>	Не выявлены	12	11 – 14	95	0,028
		Выявлены	10	8 – 13	25	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

Потребление группы «бобовые растения» и ее влияние на формирование микробиоты кишечника. Согласно проанализированной меню-раскладке, в рационе питания организованного коллектива закрытого типа на момент проведения исследования фигурировало два вида пищевой продукции данной группы – горох и фасоль консервированные.

Проведя исследование было установлено, при употреблении в среднем $6,0 \pm 0,3$ г/сут представленного вида пищевой группы продуктов вероятность выявления в микробиоте

кишечника *Limosilactobacillus* spp. повышается, так, у каждого третьего (от общего количества 29,2%), употребляющего данную группу пищевых продуктов, выявляется в микробиоте кишечника *Limosilactobacillus* spp.

Таблица 3

Зависимость между потреблением группы «бобовые растения» и микробиотой кишечника

Группа продуктов Product group	Выявленный род бактерий Identified genus of bacteria	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Бобовые растения	<i>Limosilactobacillus</i>	Не выявлены	3	0 – 5	85	0,001
		Выявлены	6	3 – 8	35	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

Потребление группы «овощи, овощные блюда» и ее влияние на формирование микробиоты кишечника. В проведенном нами исследовании было установлено – при употреблении в среднем $20,3 \pm 16,7$ г/сут представленных видов пищевой группы продуктов повышается вероятность обнаружения *Bifidobacterium* spp. В частности, у 58 из 120 обследуемых, использовавших в своем суточном рационе овощи и овощные блюда, были обнаружены представители рода *Bifidobacterium*, что составляет 48,3%.

Таблица 4

Зависимость между потреблением группы «овощи, овощные блюда» и микробиотой кишечника

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Овощи, овощные блюда	<i>Bifidobacterium</i>	Не выявлены	12	10 – 13	62	0,045
		Выявлены	14	12 – 16	58	
	<i>Liquorilactobacillus</i>	Не выявлены	13	12 – 15	111	0,001
		Выявлены	8	5 – 11	9	
	<i>Salmonella</i>	Не выявлены	12	8 – 17	116	0,036
		Выявлены	8	6 – 8	4	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

При уменьшении частоты употребления в суточном рационе групп продуктов, включающих овощи и овощные блюда, увеличивается вероятность обнаружения *Liquorilactobacillus* spp., *Salmonella* spp. Так, у 9-ти из 120 обследуемых, использующих в

своем суточном рационе овощи и овощные блюда $\leq 21,1 \pm 19,2$ г/сут, были выделены представители рода *Liquorilactobacillus*, что составляет 7,5%, а у 4-х из 120 обследуемых при употреблении данной группы овощей $\leq 25,8 \pm 23,5$ г/сут были выделены сальмонеллы, что составило 3,3%.

Потребление группы «картофель, картофельные блюда» и ее влияние на формирование микробиоты кишечника. При употреблении в среднем $191,6 \pm 79,9$ г/сут представленной группы пищевых продуктов повышается вероятность обнаружения *Kocuria* spp. В частности, у 17 обследуемых лиц, употреблявших в своем рационе в данном количестве представленной группы продуктов, были выделены бактерии рода *Kocuria*, что составляет 14,2% от общего количества.

Таблица 5

Зависимость между потреблением группы «картофель, картофельные блюда» и микробиотой кишечника

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Картофель, блюда картофельные	<i>Kocuria</i>	Не выявлены	2	2 – 3	103	0,039
		Выявлены	3	2 – 4	17	
	<i>Lactobacillus</i>	Не выявлены	2	2 – 3	56	0,040
		Выявлены	3	2 – 3	64	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

При употреблении картофельных продуктов в рационе, вероятность обнаружения *Lactobacillus* spp. возрастает. Так, у 64-х обследуемых, употреблявших в своем рационе в среднем $208,7 \pm 70,3$ г/сут данной пищевой группы продуктов, выделялись представители рода *Lactobacillus*, что составляет 53,3%.

Потребление группы «фрукты, ягоды, фруктово-ягодные напитки» и ее влияние на формирование микробиоты кишечника. В результате статистической обработки полученных результатов показано, что при употреблении в среднем $212,1 \pm 21,5$ г/сут представленных видов пищевой группы продуктов повышается вероятность обнаружения *Bacteroides* spp, *Comamonas* spp. В частности, у 5-ти обследуемых, употреблявших данную группу продуктов, выявлялись представители рода *Comamonas*, что составляет 4,2% случаев.

Проведя исследование, мы установили, при редком употреблении данной группы продуктов увеличивается вероятность обнаружения бактерии рода *Proteus*. Таким образом, у 17-обследуемых, которые употребляли $\leq 213,4 \pm 22,2$ г/сут фрукты или фруктово-ягодные напитки, выявлялись представители *Proteus* spp., что составило 14,2%. Стоит добавить, что в

проведенном нами исследовании обследуемые дополнительно употребляли напитков из лимонного сока и воды.

Таблица 6

Зависимость между потреблением группы «фрукты, ягоды, фруктово-ягодные напитки» и микробиотой кишечника

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q ₁ – Q ₃	n	p
Фрукты, ягоды, фруктово-ягодные напитки	<i>Bacteroides</i>	Не выявлены	3	3 – 4	95	0,020
		Выявлены	2	2 – 4	25	
	<i>Comamonas</i>	Не выявлены	3	3 – 4	115	0,015
		Выявлены	4	4 – 4	5	
	<i>Proteus</i>	Не выявлены	3	2 – 3	103	0,046
		Выявлены	3	3 – 4	17	
	<i>Pseudarthrobacter</i>	Не выявлены	3	3 – 4	115	0,015
		Выявлены	4	4 – 4	5	

Примечание. *Me – медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня

Кроме того, было обнаружено, что употребление представленной группы продуктов связано с повышением вероятности обнаружения бактерии рода *Pseudarthrobacter*. Так, у пяти обследуемых, употреблявших в среднем $213,4 \pm 22,6$ г/сут данной группы продуктов, выявляли в микробиоте кишечника *Pseudarthrobacter* spp., что составляет 4,2%.

Обсуждения. В открытых литературных источниках отсутствуют данные о видовом разнообразии микробиоты кишечника человека выявленными в ходе исследования (табл. 1) при употреблении группы «каши, крупы, макаронные изделия». Однако имеются данные о формировании видового разнообразия микробиоты кишечника другими видами бактерий.

Так, автором Yu D. и соавторами установлено, при употреблении цельнозерновой муки может подавляться рост потенциально патогенной микробиоты, представленной *Enterococcus* spp., *Escherichia* spp., *Shigella* spp., *Streptococcus* spp. При употреблении рафинированной муки, наоборот, ингибируется рост представленных бактерий, что частично подтверждается и проведенным нашим исследованием (табл. 1). Также в данном исследовании описывается влияние цельнозерновой муки на формирование микробиоты кишечника, в частности пролиферации *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp., *Bacteroides* spp., способности к ингибированию роста патогенной микробиоты, такой как стрептококки, энтерококки, клебсиеллы. [6].

Про влияние фасоли на микробиоту кишечника человека в открытых литературных источниках мало информации, однако описано множество исследований применения

бобовой диеты при проведении клинических испытаний на лабораторных мышах. Так, диета, состоящая из цельных бобов, приводит к значительному разнообразию микробиоты кишечника в сравнении с диетой с высоким содержанием жиров. Применение данных диет приводит к более низкому соотношению Firmicutes/Bacteroidetes, высокому выявлению *Prevotella* spp., *Bifidobacterium* spp., Clostridiales, а также к низкому содержанию *Lactobacillus* spp. Согласно описанному исследованию, бобовые диеты также приводят к высокому образованию короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК) в слепой кишке с высоким содержанием пропионовой кислоты и низкой концентрации уксусной кислоты [7].

Особый интерес представляет описание проведенного исследования автором Zhang S. и соавторами перорального введения горохового альбумина, который в процессе проводимого исследования приводил к восстановлению функций кишечника и нормализации микробиоты на фоне дисбиотических нарушений желудочно-кишечного тракта, о чем свидетельствует усиление α -разнообразия, восстановление β -разнообразия и повышение относительной численности *Lactobacillus* spp [8]. Таким образом, полученные нами результаты по группе «бобовые растения» сопоставляются с опубликованными данными других исследователей (табл. 3).

Соответственно, проведенное автором Simpson H.L. и соавторами исследование также показало прямую зависимость между соблюдением диеты с ограничением ферментируемых углеводов и резким снижением *Bifidobacterium* spp. [9], что подтверждается и проведенными нашими исследованиями (табл. 4).

Также в другом исследовании автора Hiel S. и соавторов применялась диета, в основе которой заложено применение в пищу овощей, богатыми фруктанами типа инулина (ITF).

ITF представляют собой тип ферментируемых пищевых волокон, которые могут оказывать влияние при формировании микробиоты кишечника. За время проведенного исследования, в микробиоте кишечника исследуемых людей отметилось значительное увеличение доли рода *Bifidobacterium*, снижение уровня неклассифицированных Clostridiales, а также установилась стойкая тенденция к снижению Oxalobacteraceae. Эти изменения появились спустя 3 недели после начала применения диеты с высоким содержанием набора пищевой продукции овощной группы [10].

Вспышки сальмонеллеза, связанные с употреблением свежих фруктов и овощей, продолжают представлять глобальную проблему [11]. Исследование определенной группы овощей автором Grivokostopoulos N.C. и соавторами показывает и определяет высокий риск попадания в микробиоту кишечника таких патогенов как *Salmonella* spp. [12].

Хотя традиционно это связано с продуктами животного происхождения, за последнее десятилетие в Соединенных Штатах Америки произошли вспышки нетифоидных видов *Salmonella* spp., связанных с продуктами, подчеркивают необходимость дальнейшего понимания экологии этого патогена [13].

Существует значительная связь между уровнями концентрации короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК) и составом микробиоты. Так, наличие в просвете кишечника высоких концентраций КЦЖК, возникающих в результате ферментации, могут снижать *pH* толстой кишки (до 5,5–6,5 *pH* в проксимальном отделе толстой кишки, и до 6,5–7,0 *pH* в дистальном отделе толстой и ободочной кишки), а также способствуют ингибированию роста грамотрицательных Enterobacteriaceae, включая известные патогены *Salmonella* spp. и кишечную палочку [14,15].

Включение картофеля в рацион оказывает значительное влияние на формирование микробиоты кишечника. Доказано, что употребление картофеля положительно сказывается на здоровье человека, так как способствует увеличению численности родов бактерий (таких как *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Faecalibacterium*, *Prevotella*). Кроме того, употребление картофеля может влиять на численность некоторых родов бактерий, например протеобактерий, *Romboutsia*, *Dorea* (табл.5) [16].

Автором Wu G.D. и соавторами в ходе своего исследования оценили влияние потребления группы продуктов с высоким содержанием пищевых волокон на состав формирования микробиоты кишечника. Результаты данного исследования установили, придерживаясь диеты с низким содержанием жиров и высоким содержанием пищевых волокон связывается с высоким содержанием Firmicutes, напротив, диеты с высоким содержанием жиров связываются с Actinobacteria, Bacteroidetes. Соотношение Prevotella: Bacteroides выше у тех, кто употреблял пищу с высоким содержанием клетчатки или использовал вегетарианскую диету, типичную для аграрных обществ. Диеты с высоким содержанием жиров и животных белков и низким содержанием клетчатки, аналогичные западной диете, показали противоположную связь [17].

В исследовании David L.A и соавторов, которые изучали изменение микробиоты кишечника на фоне применения краткосрочных диет, состоящих из продуктов животного или растительного происхождения, сообщается о противоположной точке зрения. Так, было установлено, что диета с высоким содержанием продуктов животного происхождения увеличивает численность толерантных к желчи воспалительных бактерий, включая *Bacteroides* и *Bilophila*, и снижает уровень Firmicutes, необходимых для метаболизма растительной клетчатки [18].

Zhang L.N. и соавторы сообщают о наличии *Comamonas* spp. в исследуемых ими образцах почвы. Наличие данного рода бактерии связывается с содержанием общего органического углерода, общего азота, аммонийного азота, общего калия и доступного фосфора в почве [19]. Возможно предположить, что используемые в рационе питания фрукты в нашем исследовании выращивались в почве с таким же высоким содержанием *Comamonas* spp. (табл. 6).

Описывается в литературных источниках и факт того, что фруктовые соки (которые также состоят в рационе обследуемых нами лиц) ингибируют рост *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Proteus mirabilis*, *S. epidermidis*, *Proteus vulgaris*, *Streptococcus oralis*, *Enterococcus faecalis*, *Escherichia coli*. Так, в исследуемых образцах фруктовых соков, полученных из *Morinda citrifolia*, автором Sina H. и соавторами были установлены значимые зависимости влияния соков на микробиоту кишечника [20]. Также, в нашем исследовании представлена подтверждающая информация о проведенном автором Sina H. и соавторами исследовании (табл. 6).

Proteus spp. как и *Pseudarthrobacter* spp. используются в агропромышленности в виде бактериальной добавки в химические удобрения или как стимулятор роста растений. *Proteus* spp. служит его же маркером при проведении биологического контроля (биологического метода защиты растений). *Pseudarthrobacter* spp. является частью формирования микробиоты ризосферы. Также род *Pseudomonas* включает множество различных почвенных бактерий, некоторые из которых являются патогенами растений [21, **Ошибка! Источник ссылки не найден.**, 22].

Выводы. Полученные в ходе данного исследования результаты показали возможное влияние продуктов растительного происхождения на формирование микробиоты кишечника.

Растительная пища, такая как фрукты, овощи, злаки, орехи и семена, богата пищевыми волокнами, которые играют ключевую роль в поддержании здоровья кишечника. Употребление злаков возможно может способствовать формированию «нормальной» микробиоты за счет подавления роста патогенной микробиоты (*Enterococcus* spp., *Escherichia* spp., *Shigella* spp., *Streptococcus* spp. и др.) и пролиферации *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp., *Bacteroides* spp.

Полученные в ходе проведенного исследования данные могут свидетельствовать также о возможном формировании условно-патогенной микрофлоры кишечника. При употреблении группы продуктов, состоящих преимущественно из каш, круп, хлебобулочных изделий может привести к повышенному шансу выявления в микробиоте кишечника бактерий родов *Bacteroides*, *Enterococcus*, *Paeniglutamicibacter*, *Sinomonas*, *Staphylococcus*.

Данные проведенного исследования могут также свидетельствовать о прямой связи между соблюдением диеты, исключаяющей ферментируемые углеводы, и значительным уменьшением количества *Bifidobacterium* spp.

Продукты богатые пищевыми волокнами помогают регулировать перистальтику кишечника, облегчают транзит пищи и предотвращают запор. Они также служат источником питательных веществ для полезных бактерий в кишечнике, что способствует поддержанию здоровой микробиоты. При употреблении овощей и бобовых растений повышается вероятность встречаемости в микробиоте кишечника бактерий рода *Bifidobacterium*, *Liquorilactobacillus*, *Limosilactobacillus*.

Проводимые дальнейшие исследования могут дать более широкое понимание о влиянии разнообразных пищевых продуктов на здоровье человека, которое формируется при непосредственном участии микробиоты кишечника.

Список литературы

1. Тутельян В.А., Вялков А.И., Разумов А.Н., Михайлов В.И., Москаленко К.А., Одинец А.Г., Сбежнева В.Г., Сергеев В.Н. Научные основы здорового питания. М: Издательский дом «Панорама»; 2010. 816 с.
2. Королев А.А. Гигиена питания: учебник для студ. учреждений высш. образования. М.: Издательский центр «Академия», 2014. 544 с.
3. Кипрушкина Е.И., Колодязная В.С., Филиппов В.И., Шестопалова И.А., Бройко Ю.В., Андрухова К.О., Владыч М.А., Смолева А.В., Клементьев Д.А. Значение фактора питания в формировании кишечного микробиома. Вестник международной академии холода. 2020;(2):52-59
4. Milani, C., Duranti, S., Bottacini, F., Casey, E., Turrone, F., Mahony, J., Belzer, C., Delgado Palacio, S., Arbolea Montes, S., Mancabelli, L., Lugli, G. A., Rodriguez, J. M., Bode, L., de Vos, W., Gueimonde, M., Margolles, A., van Sinderen, D., & Ventura, M. The first microbial colonizers of the human gut: composition, activities, and health implications of the infant gut microbiota. Microbiology and molecular biology reviews: MMBR. 2017;81(4),e00036-17. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00036-17>
5. Никонова Е.Л., Попова Е.Н. Монография «Микробиота». М: «Медиа сфера»; 2019. 256 с.
6. Yu, D., Zhu, L., Gao, M., Yin, Z., Zhang, Z., Zhu, L., & Zhan, X. A comparative study of the effects of whole cereals and refined cereals on intestinal microbiota. Foods (Basel, Switzerland).2023;12(15):2847. <https://doi.org/10.3390/foods12152847>

7. Liu, J., Hefni, M. E., Witthöft, C. M., Bergström, M., Burleigh, S., Nyman, M., & Hållénus, F. Effects of whole brown bean and its isolated fiber fraction on plasma lipid profile, atherosclerosis, gut microbiota, and microbiota-dependent metabolites in Apoe^{-/-} Mice. *Nutrients*.2022;14(5):937. <https://doi.org/10.3390/nu14050937>
8. Zhang, S., Jin, W., Zhang, W., Ren, F., Wang, P., & Liu, N. Pea albumin attenuates dextran sulfate sodium-induced colitis by regulating NF- κ B signaling and the intestinal microbiota in mice. *Nutrients*.2022;14(17):3611. <https://doi.org/10.3390/nu14173611>
9. Simpson, H. L., & Campbell, B. J. Review article: dietary fibre-microbiota interactions. *Alimentary pharmacology & therapeutics*. 2015;42(2):158–179. <https://doi.org/10.1111/apt.13248>
10. Hiel, S., Bindels, L. B., Pachikian, B. D., Kalala, G., Broers, V., Zamariola, G., Chang, B. P. I., Kambashi, B., Rodriguez, J., Cani, P. D., Neyrinck, A. M., Thissen, J. P., Luminet, O., Bindelle, J., & Delzenne, N. M. Effects of a diet based on inulin-rich vegetables on gut health and nutritional behavior in healthy humans. *The American journal of clinical nutrition*. 2019; 109(6):1683–1695. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqz001>
11. George, A. S., Cox, C. E., Desai, P., Porwollik, S., Chu, W., de Moraes, M. H., McClelland, M., Brandl, M. T., & Teplitski, M. Interactions of Salmonella enterica Serovar Typhimurium and Pectobacterium carotovorum within a Tomato Soft Rot. *Applied and environmental microbiology*. 2018;84(5):e01913-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.01913-17>
12. Grivokostopoulos, N. C., Makariti, I. P., Hilaj, N., Apostolidou, Z., & Skandamis, P. N. Internalization of Salmonella in Leafy Greens and Impact on Acid Tolerance. *Applied and environmental microbiology*. 2022;88(6):e0224921. <https://doi.org/10.1128/aem.02249-21>
13. Carstens, C. K., Salazar, J. K., & Darkoh, C. Multistate Outbreaks of Foodborne Illness in the United States Associated With Fresh Produce From 2010 to 2017. *Frontiers in microbiology*. 2019;10:2667. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02667>
14. Durant, J. A., Corrier, D. E., & Ricke, S. C. Short-chain volatile fatty acids modulate the expression of the hilA and invF genes of Salmonella typhimurium. *Journal of food protection*. 2000;63(5):573–578. <https://doi.org/10.4315/0362-028x-63.5.573>
15. Yang, X., Zhang, Z. J., & Hang, H. C. Chemical proteomics for identifying short-chain fatty acid modified proteins in Salmonella. *Methods in enzymology*. 2022;664:135–150. <https://doi.org/10.1016/bs.mie.2021.11.012>
16. Tan, J., McKenzie, C., Potamitis, M., Thorburn, A. N., Mackay, C. R., & Macia, L. The role of short-chain fatty acids in health and disease. *Advances in immunology*. 2014;121:91–119. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800100-4.00003-9>

17. Wu, G. D., Chen, J., Hoffmann, C., Bittinger, K., Chen, Y. Y., Keilbaugh, S. A., Bewtra, M., Knights, D., Walters, W. A., Knight, R., Sinha, R., Gilroy, E., Gupta, K., Baldassano, R., Nessel, L., Li, H., Bushman, F. D., & Lewis, J. D. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. *Science* (New York, N.Y.). 2011;334(6052):105–108. <https://doi.org/10.1126/science.1208344>
18. David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., & Turnbaugh, P. J. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*. 2014;505(7484):559–563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>
19. Zhang L.N., Hu Q., Dai X. Q., Xie Y., Li Q., Liu H. M., Guo Jian-Hua. Consortium of plant growth-promoting Rhizobacteria strains suppresses sweet pepper disease by altering the rhizosphere microbiota. *Frontiers in microbiology*. 2019;10:1668. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01668>
20. Sina, H., Dramane, G., Tchekounou, P., Assogba, M. F., Chabi-Sika, K., Boya, B., Socohou, A., Adjanohoun, A., & Baba-Moussa, L. Phytochemical composition and in vitro biological activities of *Morinda citrifolia* fruit juice. *Saudi journal of biological sciences*. 2021;28(2):1331–1335. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.11.059>
21. Ben Slama, H., Triki, M. A., Chenari Bouket, A., Ben Mefteh, F., Alenezi, F. N., Luptakova, L., Cherif-Silini, H., Vallat, A., Oszako, T., Gharsallah, N., & Belbahri, L. Screening of the High-Rhizosphere Competent *Limoniastrum monopetalum*' Culturable Endophyte Microbiota Allows the Recovery of Multifaceted and Versatile Biocontrol Agents. *Microorganisms*. 2019;7(8):249. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7080249>
22. Zulfiqar, H., Amjad, M. S., Mehmood, A., Mustafa, G., Binish, Z., Khan, S., Arshad, H., Proćków, J., & Pérez de la Lastra, J. M. Antibacterial, Antioxidant, and Phytotoxic Potential of Phytosynthesized Silver Nanoparticles Using *Elaeagnus umbellata* Fruit Extract. *Molecules* (Basel, Switzerland). 2022;27(18):5847. <https://doi.org/10.3390/molecules27185847>
23. Schütz, V., Frindte, K., Cui, J., Zhang, P., Hacquard, S., Schulze-Lefert, P., Knief, C., Schulz, M., & Dörmann, P. Differential Impact of Plant Secondary Metabolites on the Soil Microbiota. *Frontiers in microbiology*. 2021;12:666010. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.666010>

References

1. Tutel'yan V.A., Vyalkov A.I, Razumov A.N., Mikhailov V.I., Moskalenko K.A., Oinets A.G., Cbezhneva V.G., Sergeev V.N. Nauchnye osnovy zdorovogo pitaniya [The Science of Healthy Eating]. Moscow; 2010.816 p. (In Russian)

2. Korolev A.A. *Gigiena pitaniya: uchebnik dlya stud. uchrezhdenii vyssh. obrazovaniya* [Food hygiene]. Moscow; 2014. 544 p. (In Russian)
3. Kiprushkina E.I., Kolodyaznaya V.S., Filippov V.I., Shestopalova I.A., Broiko Yu.V., Andrukhova K.O., Vladych M.A., Smoleva A.V., Klement'ev D.A. *Znachenie faktora pitaniya v formirovaniy kishechnogo mikrobioma* [The importance of nutrition in the forming of intestinal microbiome.] *Vestnik mezhdunarodnoi akademii kholoda* [Bulletin of the International Academy of Refrigeration, Russian journal]. 2020;2:52-59 (In Russian)
4. Milani, C., Duranti, S., Bottacini, F., Casey, E., Turrone, F., Mahony, J., Belzer, C., Delgado Palacio, S., Arboleya Montes, S., Mancabelli, L., Lugli, G. A., Rodriguez, J. M., Bode, L., de Vos, W., Gueimonde, M., Margolles, A., van Sinderen, D., & Ventura, M. The first microbial colonizers of the human gut: composition, activities, and health implications of the infant gut microbiota. *Microbiology and molecular biology reviews: MMBR*. 2017;81(4),e00036-17. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00036-17>
5. Nikonova E.L., Popova E.N. *Monografiya «Mikrobiota»* [Monograph «Microbiota»]. Moscow; 2019. 256 p. (In Russian)
6. Yu, D., Zhu, L., Gao, M., Yin, Z., Zhang, Z., Zhu, L., & Zhan, X. A comparative study of the effects of whole cereals and refined cereals on intestinal microbiota. *Foods* (Basel, Switzerland).2023;12(15):2847. <https://doi.org/10.3390/foods12152847>
7. Liu, J., Hefni, M. E., Witthöft, C. M., Bergström, M., Burleigh, S., Nyman, M., & Hållénus, F. Effects of whole brown bean and its isolated fiber fraction on plasma lipid profile, atherosclerosis, gut microbiota, and microbiota-dependent metabolites in Apoe^{-/-} Mice. *Nutrients*.2022;14(5):937. <https://doi.org/10.3390/nu14050937>
8. Zhang, S., Jin, W., Zhang, W., Ren, F., Wang, P., & Liu, N. Pea albumin attenuates dextran sulfate sodium-induced colitis by regulating NF-κB signaling and the intestinal microbiota in mice. *Nutrients*.2022;14(17):3611. <https://doi.org/10.3390/nu14173611>
9. Simpson, H. L., & Campbell, B. J. Review article: dietary fibre-microbiota interactions. *Alimentary pharmacology & therapeutics*. 2015;42(2):158–179. <https://doi.org/10.1111/apt.13248>
10. Hiel, S., Bindels, L. B., Pachikian, B. D., Kalala, G., Broers, V., Zamariola, G., Chang, B. P. I., Kambashi, B., Rodriguez, J., Cani, P. D., Neyrinck, A. M., Thissen, J. P., Luminet, O., Bindelle, J., & Delzenne, N. M. Effects of a diet based on inulin-rich vegetables on gut health and nutritional behavior in healthy humans. *The American journal of clinical nutrition*. 2019; 109(6):1683–1695. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqz001>
11. George, A. S., Cox, C. E., Desai, P., Porwollik, S., Chu, W., de Moraes, M. H., McClelland, M., Brandl, M. T., & Teplitski, M. Interactions of *Salmonella enterica* Serovar

Typhimurium and Pectobacterium carotovorum within a Tomato Soft Rot. Applied and environmental microbiology. 2018;84(5):e01913-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.01913-17>

12. Grivokostopoulos, N. C., Makariti, I. P., Hilaj, N., Apostolidou, Z., & Skandamis, P. N. Internalization of Salmonella in Leafy Greens and Impact on Acid Tolerance. Applied and environmental microbiology. 2022;88(6):e0224921. <https://doi.org/10.1128/aem.02249-21>

13. Carstens, C. K., Salazar, J. K., & Darkoh, C. Multistate Outbreaks of Foodborne Illness in the United States Associated With Fresh Produce From 2010 to 2017. Frontiers in microbiology. 2019;10:2667. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02667>

14. Durant, J. A., Corrier, D. E., & Ricke, S. C. Short-chain volatile fatty acids modulate the expression of the hilA and invF genes of Salmonella typhimurium. Journal of food protection. 2000;63(5):573–578. <https://doi.org/10.4315/0362-028x-63.5.573>

15. Yang, X., Zhang, Z. J., & Hang, H. C. Chemical proteomics for identifying short-chain fatty acid modified proteins in Salmonella. Methods in enzymology. 2022;664:135–150. <https://doi.org/10.1016/bs.mie.2021.11.012>

16. Tan, J., McKenzie, C., Potamitis, M., Thorburn, A. N., Mackay, C. R., & Macia, L. The role of short-chain fatty acids in health and disease. Advances in immunology. 2014;121:91–119. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800100-4.00003-9>

17. Wu, G. D., Chen, J., Hoffmann, C., Bittinger, K., Chen, Y. Y., Keilbaugh, S. A., Bewtra, M., Knights, D., Walters, W. A., Knight, R., Sinha, R., Gilroy, E., Gupta, K., Baldassano, R., Nessel, L., Li, H., Bushman, F. D., & Lewis, J. D. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. Science (New York, N.Y.). 2011;334(6052):105–108. <https://doi.org/10.1126/science.1208344>

18. David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., & Turnbaugh, P. J. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. Nature. 2014;505(7484):559–563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>

19. Zhang L.N., Hu Q., Dai X. Q., Xie Y., Li Q., Liu H. M., Guo Jian-Hua. Consortium of plant growth-promoting Rhizobacteria strains suppresses sweet pepper disease by altering the rhizosphere microbiota. Frontiers in microbiology. 2019;10:1668. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01668>

20. Sina, H., Dramane, G., Tchekounou, P., Assogba, M. F., Chabi-Sika, K., Boya, B., Socohou, A., Adjanohoun, A., & Baba-Moussa, L. Phytochemical composition and in vitro biological activities of Morinda citrifolia fruit juice. Saudi journal of biological sciences. 2021;28(2):1331–1335. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.11.059>

21. Ben Slama, H., Triki, M. A., Chenari Bouket, A., Ben Mefteh, F., Alenezi, F. N., Luptakova, L., Cherif-Silini, H., Vallat, A., Oszako, T., Gharsallah, N., & Belbahri, L. Screening of the High-Rhizosphere Competent *Limoniastrum monopetalum*' Culturable Endophyte Microbiota Allows the Recovery of Multifaceted and Versatile Biocontrol Agents. *Microorganisms*. 2019;7(8):249. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7080249>

22. Zulfiqar, H., Amjad, M. S., Mehmood, A., Mustafa, G., Binish, Z., Khan, S., Arshad, H., Proćków, J., & Pérez de la Lastra, J. M. Antibacterial, Antioxidant, and Phytotoxic Potential of Phytosynthesized Silver Nanoparticles Using *Elaeagnus umbellata* Fruit Extract. *Molecules* (Basel, Switzerland). 2022;27(18):5847. <https://doi.org/10.3390/molecules27185847>

23. Schütz, V., Frindte, K., Cui, J., Zhang, P., Hacquard, S., Schulze-Lefert, P., Knief, C., Schulz, M., & Dörmann, P. Differential Impact of Plant Secondary Metabolites on the Soil Microbiota. *Frontiers in microbiology*. 2021;12:666010. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.666010>

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Acknowledgments. The study did not have sponsorship.

Conflict of interests. The authors declare no conflict of interest.

Сведения об авторах

Горбачев Дмитрий Олегович – доктор медицинских наук, доцент, заведующий кафедрой общей гигиены ФГБОУ ВО «Самарский Государственный медицинский университет» Министерства Здравоохранения Российской Федерации; 443001, г. Самара, ул. Арцыбушевская, 171; e-mail: d.o.gorbachev@samsmu.ru, ORCID 0000-0002-5905-1895, SPIN-код: 1276-2740

Ермолаев Александр Вадимович – врач по общей гигиене отделения ГСЭН Центра (государственного санитарно-эпидемиологического надзора, территориальный, г. Самара) ФГКУ «1026 ЦГСЭН» МО РФ; 443056, г. Самара, ул. Подшипниковая, 9; аспирант, ассистент кафедры общей гигиены ФГБОУ ВО «Самарский Государственный медицинский университет» Министерства Здравоохранения Российской Федерации; 443001, г. Самара, ул. Арцыбушевская, 171; e-mail: a.v.ermolaev@samsmu.ru, ORCID 0000-0003-4044-9139, SPIN-код: 1541-8495

Лямин Артем Викторович – доктор медицинских наук, доцент, директор Научно-образовательного профессионального центра генетических и лабораторных технологий (НОПЦ ГЛТ); 443079, г. Самара, ул. Гагарина, д. 20; профессор кафедры общей и клинической микробиологии, иммунологии и аллергологии; 443079, г. Самара, ул. Гагарина, д. 18; врач-бактериолог клинико-диагностической лаборатории Клиник ФГБОУ ВО «Самарский Государственный медицинский университет» Министерства Здравоохранения Российской Федерации; 443079, г. Самара, ул. Гагарина, д. 20; e-mail: a.v.lyamin@samsmu.ru, ORCID 0000-0002-5905-1895, SPIN-код: 1276-2740

Information about the authors

Gorbachev Dmitry Olegovich – Doctor of Medical Sciences, Associate Professor, Head of the Department of General Hygiene of the Samara State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation; address: 171 Artsybushevskaya str., Samara, 443001; e-mail: d.o.gorbachev@samsmu.ru, ORCID 0000-0002-5905-1895, SPIN-код: 1276-2740

Ermolaev Alexander Vadimovich – general hygiene doctor 1026 of the State Sanitary Epidemiological Supervision Center (state sanitary and epidemiological supervision, territorial, Samara), postgraduate student of the Department of General Hygiene of the Samara State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation; address: 9 Podshipnikovaya str., Samara, 443056; postgraduate student, assistant at the Department of General Hygiene, Samara State Medical University, Ministry of Health of the Russian Federation; address: 171 Artsybushevskaya str., Samara, 443001; e-mail: a.v.ermolaev@samsmu.ru, ORCID 0000-0003-4044-9139, SPIN-код: 1541-8495

Lyamin Artem Viktorovich – Doctor of Medical Sciences, Associate Professor, Director of the Scientific and Educational Professional Center for Genetic and Laboratory Technologies (NOPC GLT); address: 20 Gagarina str., Samara, 443079; Professor of the Department of General and Clinical Microbiology, Immunology and Allergology; address: 18 Gagarina str., Samara, 443079; bacteriologist of the clinical diagnostic laboratory of the Clinic of the Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Samara State Medical University" of the Ministry of Health of the Russian Federation; address: 20 Gagarina str., Samara, 443079; e-mail: a.v.lyamin@samsmu.ru, ORCID 0000-0002-5905-1895, SPIN-код: 1276-2740

Статья получена: 30.12.2024 г.
Принята к публикации: 25.03.2025 г.